ได้ทำการสร้างเห็ดลูกผสมระหว่างเห็ดหอมกับเห็ดขอนขาว เห็ดหอมกับเห็ดบด และเห็ดขอนขาวกับเห็ดบดด้วยวิธีดั้งเดิม (conventional method) แบบ mon-mon mating และ di-mon mating จากสายพันธุ์โมโนคาริออนที่ทราบ mating type และสายพันธุ์ไดคาริออน แล้วคัดเลือกฟิวแซนท์จำนวน 8 สายพันธุ์ ได้แก่ MES6 และ MPS19 เป็นฟิวแซนท์จากวิธี mon-mon mating ที่เกิดจากเห็ดหอมที่มี mating type เป็น A_2B_1 กับเห็ดขอนขาวที่มี mating type เป็น A_1B_2 และเห็ดบดที่มี mating type เป็น A_2B_1 กับเห็ดขอนขาวที่มี mating type เป็น A_1B_2 ตามลำดับ ส่วนสายพันธุ์ที่เกิดจากวิธี di-mon mating ได้แก่ DES1 DES7 และ DES5 เป็นฟิวแซนท์ที่เกิดจากเห็ดหอมสายพันธุ์ไดคาริออนกับเห็ดขอนขาวที่มี mating type เป็น A_1B_1, A_2B_2, A_1B_2 และสายพันธุ์ DPS8, DPS14 และ DPS12 เป็นฟิวแซนท์ที่เกิดจากเห็ดบดสายพันธุ์ไดคาริออนกับเห็ดขอนขาวที่มี mating type เป็น A_1B_1, A_2B_2 และ A_1B_2 ตามลำดับ จากนั้นได้ตรวจสอบความเป็นลูกผสมเปรียบเทียบกับเห็ดหอม เห็ดขอนขาว และเห็ดบด โดยใช้สัณฐานวิทยาและเทคนิคทางชีววิทยาระดับโมเลกุล 2 วิธีได้แก่ 1) วิธี PCR ของ rDNA โดยใช้คู่ไพรเมอร์ 3 คู่คือ ITS1 กับ ITS2, ITS1 กับ ITS4 และ ITS3 กับ ITS4 2) วิธี Polymerase Chain Reaction/Restriction Fragment Length Polymorphisms (PCR/RFLP) ของดีเอ็นเอที่อยู่ระหว่าง internal transcribed spacer (ITS) ร่วมกับการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ 7 ชนิด ได้แก่ *Hin*fI, *Dde*I, *Sau*3AI, *Eco*RI, *Hin*dIII, *Hae*II และ *Hae*III ผลการตรวจสอบทางสัณฐานวิทยาพบว่าฟิวแซนท์ MES6, DES7 และ DPS12 มีลักษณะเด่นของเห็ดหอมกับเห็ดขอนขาว และเห็ดขอนขาวกับเห็ดบดชัดเจน ส่วนผลจากวิธีที่ 2 ตรวจพบความเป็นลูกผสมได้ 5 สายพันธุ์ จากคู่ไพรเมอร์ ITS1 กับ ITS4 คือฟิวแซนท์ MES6 เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ *Sau*3AI ฟิวแซนท์ DES1 เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ *Eco*RI ฟิวแซนท์ DPS12 เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ *Eco*RI และจากคู่ไพรเมอร์ ITS3 กับ ITS4 คือฟิวแซนท์ DES7 เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ *Sau*3AI และฟิวแซนท์ DPS8 เมื่อตัดด้วยเอนไซม์ *Hin*fI และ *Hae*III แต่การตรวจสอบด้วยเทคนิคดีเอ็นเอทั้ง 2 วิธีสามารถยืนยันความเป็นลูกผสมตรงกัน 2 สายพันธุ์คือ MES6 และ DES7 และฟิวแซนท์ MPS19, DES5 และ DPS12 มีดีเอ็นเอของเห็ดขอนขาวมากกว่าเห็ดหอมและเห็ดบด

Hybridization between *Lentinula edodes* , *Lentinus squarrosulus* and *L. polychrous* were performed by the conventional methods of Mon-mon Mating and Di-mon Mating using known mating typed monokaryotic strains and dikaryons of the three species. Eight fusants were selected and of which MES6 (A_2B_1 *L. edodes* and A_1B_2 *L. squarrosulus*) and MPS19 (A_2B_1 *L. polychrous* and A_1B_2 *L. squarrosulus*) were from Mon-mon Matings, while DES1, DES7, DES5, DPS8, DPS14 and DPS12 were from Di-mon Matings.

Two methods of hybridization detection were studied. In the morphological studies, fruiting bodies of all the 8 fusants along with those of their parents were cultured on saw dust plastic bags and the results were that MES6, MES7 and DPS12 possessed combined characteristics of their parents. When two molecular biological methods (1. PCR of rDNA using 3 pairs of primers: ITS1 V.S. ITS2, ITS1 V.S. ITS4 and ITS3 V.S. ITS4 and 2. PCR/RFLP of internal transcribed spacer DNA) were studied, the results were that MES6, DES1, DES7 DPS8 and DPS12 showed hybrid DNA parents when ITS1 V.S. ITS4 plus *Sau*3AI, ITS1 V.S. ITS4 plus *Eco*RI, ITS3 V.S. ITS4 plus *Sau*3AI and ITS3 V.S. ITS4 plus *Hin*fI and *Hae*III, were used, respectively. In addition, it was found that most of the hybrids possessed more DNA of *L. squarrosulus* than those of *L. edodes* and *L. polychrous.*